



Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Universidad del Perú. Decana de América

Dirección General de Estudios de Posgrado

Facultad de Ciencias Biológicas

Unidad de Posgrado

**Caracterización genética en una muestra poblacional
ashaninka en el distrito de Puerto Bermúdez, Pasco-
Perú, empleando marcadores STR autosómicos y del
cromosoma Y**

TESIS

Para optar el Grado Académico de Magíster en Genética

AUTOR

Dean Herman TINEO TINEO

ASESOR

Ricardo Jaime DESCAILLEAUX DULANTO

Lima, Perú

2017



Reconocimiento - No Comercial - Compartir Igual - Sin restricciones adicionales

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>

Usted puede distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir del documento original de modo no comercial, siempre y cuando se dé crédito al autor del documento y se licencien las nuevas creaciones bajo las mismas condiciones. No se permite aplicar términos legales o medidas tecnológicas que restrinjan legalmente a otros a hacer cualquier cosa que permita esta licencia.

Referencia bibliográfica

Tineo, D. (2017). *Caracterización genética en una muestra poblacional ashaninka en el distrito de Puerto Bermúdez, Pasco-Perú, empleando marcadores STR autosómicos y del cromosoma Y*. [Tesis de maestría, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Ciencias Biológicas, Unidad de Posgrado]. Repositorio institucional Cybertesis UNMSM.



UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS
UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS

(Universidad del Perú, DECANA DE AMÉRICA)

FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

VICEDECANATO DE INVESTIGACION Y POSGRADO

UNIDAD DE POSGRADO

Exped. N° 140-UPG-FCB-2016

**ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS PARA OPTAR AL GRADO ACADEMICO
DE MAGÍSTER EN GENÉTICA**

Siendo las 10:10 horas del día 8-11-2014 en el Salón de Grados de la Facultad de Ciencias Biológicas, el Jurado Examinador presidido por:

Dr. Armando Yarleque Chocas	e integrado por
Dr. Enrique Walter Mamani Zapana	(Miembro)
Mg. Patricia Gloria Woll Toso	(Miembro)
Mg. Fernando Octavio Retuerto Prieto	(Miembro)
M.Sc. Ricardo J. Descailleaux Dulanto	(Asesor)

Se reunió para la sustentación oral y pública de la Tesis para optar al Grado Académico de Magister en Genética, que solicitara el Bachiller Don **DEAN HERMAN TINEO TINEO**.

Después de darse lectura al Expediente N° 140-UPG-FCB-16, en el que consta haberse cumplido con todas las disposiciones reglamentarias, los señores miembros del Jurado, recepcionaron la exposición de la Tesis Titulada:

“Caracterización genética en una muestra poblacional Ashaninka, en el Distrito de Puerto Bermúdez, Pasco – Perú; empleando marcadores STR autosómicos y del cromosoma Y”, y formuladas las preguntas, éstas fueron absueltas por el graduando.



UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS
(Universidad del Perú, DECANA DE AMÉRICA)

FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

VICEDECANATO DE INVESTIGACION Y POSGRADO

UNIDAD DE POSGRADO

Acto seguido el Jurado procedió a la votación la que dio como resultado el calificativo de: *Excelente con la nota de 19*

A continuación el Presidente del Jurado Examinador recomienda que la Facultad proponga que la Universidad le otorgue el grado académico de Magister en..... *Genética* al Bachiller..... *Dean Herman Tineo Tineo*

Siendo las..... *11:50* se levantó la Sesión, recibiendo el graduando las felicitaciones de los señores miembros del Jurado y público asistente.

Se extiende la presente Acta en Lima, a los 8 días del mes de noviembre del año 2017.

.....
Dr. Armando Yarleque Chocas
Profesor Principal a T. C.
PRESIDENTE

.....
M.Sc. Ricardo J. Descailleaux Dulanto
Profesor Principal a D. E.
ASESOR

.....
Dr. Enrique W. Mamani Zapana
Profesor Auxiliar a T. C.
MIEMBRO

.....
Mg. Patricia Gloria Woll Toso
Profesor Principal a T. C.
MIEMBRO

.....
Mg. Fernando O. Retuerto Prieto
Profesor Principal a D.E.
MIEMBRO

RESUMEN

A pesar del intenso mestizaje ocurrido entre los europeos que llegaron a Sudamérica a lo largo de los últimos 500 años y las poblaciones precolombinas que habitaban el territorio hace 12 000 años, siguen existiendo en el Perú muchas poblaciones que se han mantenido relativamente aisladas, preservando un sustrato genético esencialmente nativo. Con el objetivo de estudiar una de las poblaciones nativas existente actualmente en Perú, se caracterizó genéticamente una muestra de 181 individuos (58 hombres y 123 mujeres) de la población ashaninka ubicada en los afluentes de los ríos Pichis y Palcazu, jurisdicción del distrito de Puerto Bermúdez, provincia de Oxapampa-Pasco, en la selva central del Perú. En todas las muestras de tejido sanguíneo capilar se analizaron 16 secuencias nucleotídicas autosómicas de tipo STR; y en las de los varones se analizaron 27 secuencias haplotípicas del cromosoma sexual Y. La lectura de los productos de la PCR se realizó por electroforesis capilar. Las heterocigosidades observadas (H_o) en los STRs autosómicos varían entre 0.60 y 0.83, excepto en D3S1358 ($H_o = 0.448$) y TH01 ($H_o = 0.486$), y son los marcadores que presentaron distancias genéticas más significativas cuando se compararon con los respectivos STRs de la base de datos de la población hispanoamericana; el estadístico (F) con promedio de 0.007 denota que esta población no es endogámica; el índice de Garza-Williamson de 1.02, indica que es estacionaria; solo el marcador STR D18S51 no se encuentra en equilibrio de Hardy-Weinberg, con un valor P de 0.0031. Con respecto a la variabilidad de los Y-STRs, dos marcadores que usualmente presentan alta diversidad en poblaciones europeas, muestran muy baja diversidad en los nativos americanos ashaninkas, específicamente los DYS635 ($h = 0.2263$) y DYS437 ($h = 0.1325$). Según el programa informático Haplogroup Predictor, la ascendencia patrilineal en la muestra poblacional ashaninka es el haplogrupo Q; y con el programa informático en línea de la YHRD, se estimó que la ancestría más probable es la amerindia; empleando la base de datos de este último programa, un 39.7 % de los haplotipos mínimos de Y-STRs de la muestra de poblacional ashaninka hicieron match con poblaciones esquimo-aleutiana y mestiza, ambas del continente americano; además se encontraron distancias genéticas no significativas con una muestra poblacional aymara.

Palabras claves: Ashaninka, Puerto Bermúdez, autosómicos, cromosoma Y, endogamia, haplogrupos, haplotipos, STR.

SUMMARY

Despite the intense interbreeding that occurred between Europeans who came to South America over the last 500 years and pre-Columbian populations which inhabited the area 12 000 years ago, many populations have remained relatively isolated in Peru, preserving a genetic substrate that is essentially native. With the aim of studying one of the currently existing native populations in Peru, a sample was genetically characterized, comprising 181 individuals (58 men and 123 women) of the Ashaninka population located in the tributaries of the Pichis and Palcazu rivers jurisdiction of the district of Puerto Bermudez province of Oxapampa-Pasco, in the central jungle of Peru. In all samples of capillary blood tissue 16 autosomal STR nucleotide sequences were analyzed; and in males 27 Y-chromosome haplotype sequences were typed. The analysis of the PCR products was performed by capillary electrophoresis. The observed heterozygosities (H_o) for autosomal STRs vary between 0.60 and 0.83, except for D3S1358 ($H_o = 0.448$) and TH01 ($H_o = 0.486$), which are the markers with the most significant genetic distances when compared with the respective STRs in the database of Hispanic population; statistical (F) with an average of 0.007 indicates [that this population is not inbred; Garza-Williamson's index of 1.02 indicates that it is stationary; the STR marker D18S51 is the only one that is not in Hardy-Weinberg equilibrium with a "p" value of 0.0031. With respect to the variability of the Y-STRs, two markers that usually have high diversity in European populations show very low diversity in Native Americans ashankas, specifically DYS635 ($h = 0.2263$) and DYS437 ($h = 0.1325$). According to Haplogroup Predictor software, patrilineal descent in the ashankas population sample is haplogroup Q; and using the online computer program YHRD, it was estimated that the most likely ancestry is Amerindian; using the database of the latter program, it was found that 39.7% of the minimum haplotypes of Y-STRs in the ashankas natives, match with Eskimo-Aleut and mestizo populations, both from America; also no significant genetic distances with the native aymara were found.

Keywords: Ashaninka, Port Bermudez, autosomal, Y chromosome, intermarriage, haplogroups, haplotypes, STR.